

SEQUENCE LISTING

```

<110>  FOSTER, Timothy
<120>  METHODS FOR TREATING OR PREVENTING INFECTIONS FROM COAGULASE-
      NEGATIVE STAPHYLOCOCCI
<130>  P06335US05/BAS
<140>
<141>  2003-10-21
<150>  09/386,962
<151>  1999-08-31
<150>  60/098,443
<151>  1998-08-31
<150>  60/117,119
<151>  1999-01-25
<160>  39
<170>  PatentIn version 3.1
<210>  1
<211>  5406
<212>  DNA
<213>  Staphylococcus epidermidis
<220>
<221>  CDS
<222>  (1)..(5406)
<223>
<400>  1
tat tgg ata aat tat gct tat aaa gta ttt aca taa aaa tgt aaa tgc      48
Tyr Trp Ile Asn Tyr Ala Tyr Lys Val Phe Thr      Lys Cys Lys Cys
1          5          10          15

aat tta caa gta aat att caa att att tcc ttg taa aat att tat ttt      96
Asn Leu Gln Val Asn Ile Gln Ile Ile Ser Leu      Asn Ile Tyr Phe
20          25          30

aac tgg agg tat agt atg aaa aag aga aga caa gga cca att aac aag      144
Asn Trp Arg Tyr Ser Met Lys Lys Arg Arg Gln Gly Pro Ile Asn Lys
35          40          45

aga gtg gat ttt cta tcc aac aag gta aac aag tac tcg att agg aag      192
Arg Val Asp Phe Leu Ser Asn Lys Val Asn Lys Tyr Ser Ile Arg Lys
50          55          60

ttc aca gta ggt aca gct tca ata ctc gtg ggt gct acg tta atg ttt      240
Phe Thr Val Gly Thr Ala Ser Ile Leu Val Gly Ala Thr Leu Met Phe
65          70          75

ggt gcc gca gac aat gag gct aaa gcg gct gaa gac aat caa tta gaa      288
Gly Ala Ala Asp Asn Glu Ala Lys Ala Ala Glu Asp Asn Gln Leu Glu
80          85          90

```

tca gct tca aaa gaa gaa cag aaa ggt agt cgt gat aat gaa aac tca	336
Ser Ala Ser Lys Glu Glu Gln Lys Gly Ser Arg Asp Asn Glu Asn Ser	
95 100 105 110	
aaa ctt aat caa gtc gat tta gac aac gga tca cat agt tct gag aaa	384
Lys Leu Asn Gln Val Asp Leu Asp Asn Gly Ser His Ser Ser Glu Lys	
115 120 125	
aca aca aat gta aac aat gca act gaa gta aaa aaa gtt gaa gca cca	432
Thr Thr Asn Val Asn Asn Ala Thr Glu Val Lys Lys Val Glu Ala Pro	
130 135 140	
acg aca agt gac gta tct aag cct aaa gct aat gaa gca gta gtg acg	480
Thr Thr Ser Asp Val Ser Lys Pro Lys Ala Asn Glu Ala Val Val Thr	
145 150 155	
aat gag tca act aaa cca aaa aca aca gaa gca cca act gtt aat gag	528
Asn Glu Ser Thr Lys Pro Lys Thr Thr Glu Ala Pro Thr Val Asn Glu	
160 165 170	
gaa tca ata gct gaa aca ccc aaa acc tca act aca caa caa gat tcg	576
Glu Ser Ile Ala Glu Thr Pro Lys Thr Ser Thr Thr Gln Gln Asp Ser	
175 180 185 190	
act gag aag aat aat cca tct tta aaa gat aat tta aat tca tcc tca	624
Thr Glu Lys Asn Asn Pro Ser Leu Lys Asp Asn Leu Asn Ser Ser Ser	
195 200 205	
acg aca tct aaa gaa agt aaa aca gac gaa cat tct act aag caa gct	672
Thr Thr Ser Lys Glu Ser Lys Thr Asp Glu His Ser Thr Lys Gln Ala	
210 215 220	
caa atg tct act aat aaa tca aat tta gac aca aat gac tct cca act	720
Gln Met Ser Thr Asn Lys Ser Asn Leu Asp Thr Asn Asp Ser Pro Thr	
225 230 235	
caa agt gag aaa act tca tca caa gca aat aac gac agt aca gat aat	768
Gln Ser Glu Lys Thr Ser Ser Gln Ala Asn Asn Asp Ser Thr Asp Asn	
240 245 250	
cag tca gca cct tct aaa caa tta gat tca aaa cca tca gaa caa aaa	816
Gln Ser Ala Pro Ser Lys Gln Leu Asp Ser Lys Pro Ser Glu Gln Lys	
255 260 265 270	
gta tat aaa aca aaa ttt aat gat gaa cct act caa gat gtt gaa cac	864
Val Tyr Lys Thr Lys Phe Asn Asp Glu Pro Thr Gln Asp Val Glu His	
275 280 285	
acg aca act aaa tta aaa aca cct tct gtt tca aca gat agt tca gtc	912
Thr Thr Thr Lys Leu Lys Thr Pro Ser Val Ser Thr Asp Ser Ser Val	
290 295 300	
aat gat aag caa gat tac aca cga agt gct gta gct agt tta ggt gtt	960
Asn Asp Lys Gln Asp Tyr Thr Arg Ser Ala Val Ala Ser Leu Gly Val	
305 310 315	
gat tct aat gaa aca gaa gca att aca aat gca gtt aga gac aat tta	1008
Asp Ser Asn Glu Thr Glu Ala Ile Thr Asn Ala Val Arg Asp Asn Leu	
320 325 330	
gat tta aaa gct gca tct aga gaa caa atc aat gaa gca atc att gct	1056
Asp Leu Lys Ala Ala Ser Arg Glu Gln Ile Asn Glu Ala Ile Ile Ala	

335	340	345	350	
gaa gca cta aaa aaa gac ttt tct aac cct gat tat ggt gtc gat acg Glu Ala Leu Lys Lys Asp Phe Ser Asn Pro Asp Tyr Gly Val Asp Thr 355 360 365				1104
cca tta gct cta aac aga tct caa tca aaa aat tca cca cat aag agt Pro Leu Ala Leu Asn Arg Ser Gln Ser Lys Asn Ser Pro His Lys Ser 370 375 380				1152
gca agt cca cgc atg aat tta atg agt tta gct gct gag cct aat agt Ala Ser Pro Arg Met Asn Leu Met Ser Leu Ala Ala Glu Pro Asn Ser 385 390 395				1200
ggt aaa aat gtg aat gat aaa gtt aaa atc aca aac cct acg ctt tca Gly Lys Asn Val Asn Asp Lys Val Lys Ile Thr Asn Pro Thr Leu Ser 400 405 410				1248
ctt aat aag agt aat aat cac gct aat aac gta ata tgg cca aca agt Leu Asn Lys Ser Asn Asn His Ala Asn Asn Val Ile Trp Pro Thr Ser 415 420 425 430				1296
aac gaa caa ttt aat tta aaa gca aat tat gaa tta gat gac agc ata Asn Glu Gln Phe Asn Leu Lys Ala Asn Tyr Glu Leu Asp Asp Ser Ile 435 440 445				1344
aaa gag gga gat act ttt act att aag tat ggt cag tat att aga ccg Lys Glu Gly Asp Thr Phe Thr Ile Lys Tyr Gly Gln Tyr Ile Arg Pro 450 455 460				1392
ggt ggt tta gaa ctt cct gca ata aaa act caa cta cgt agt aag gat Gly Gly Leu Glu Leu Pro Ala Ile Lys Thr Gln Leu Arg Ser Lys Asp 465 470 475				1440
ggc tct att gta gct aat ggt gta tat gat aaa act aca aat acg acg Gly Ser Ile Val Ala Asn Gly Val Tyr Asp Lys Thr Thr Asn Thr Thr 480 485 490				1488
act tat aca ttt act aac tat gtt gat caa tat caa aat att aca ggt Thr Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Val Asp Gln Tyr Gln Asn Ile Thr Gly 495 500 505 510				1536
agt ttt gat tta att gcg acg cct aag agg gaa aca gca att aag gat Ser Phe Asp Leu Ile Ala Thr Pro Lys Arg Glu Thr Ala Ile Lys Asp 515 520 525				1584
aat cag aat tat cct atg gaa gtg acg att gct aac gaa gta gtc aaa Asn Gln Asn Tyr Pro Met Glu Val Thr Ile Ala Asn Glu Val Val Lys 530 535 540				1632
aaa gac ttc att gtg gat tat ggt aat aaa aag gac aat aca act aca Lys Asp Phe Ile Val Asp Tyr Gly Asn Lys Lys Asp Asn Thr Thr Thr 545 550 555				1680
gca gcg gta gca aat gtg gat aat gta aat aat aaa cat aac gaa gtt Ala Ala Val Ala Asn Val Asp Asn Val Asn Asn Lys His Asn Glu Val 560 565 570				1728
gtt tat cta aac caa aat aac caa aac cct aaa tat gct aaa tat ttc Val Tyr Leu Asn Gln Asn Asn Gln Asn Pro Lys Tyr Ala Lys Tyr Phe 575 580 585 590				1776

tca	aca	gta	aaa	aat	ggg	gaa	ttt	ata	cca	ggg	gaa	gtg	aaa	gtt	tac	1824
Ser	Thr	Val	Lys	Asn	Gly	Glu	Phe	Ile	Pro	Gly	Glu	Val	Lys	Val	Tyr	
				595					600					605		
gaa	gtg	acg	gat	acc	aat	gcg	atg	gta	gat	agc	ttc	aat	cct	gat	tta	1872
Glu	Val	Thr	Asp	Thr	Asn	Ala	Met	Val	Asp	Ser	Phe	Asn	Pro	Asp	Leu	
			610					615					620			
aat	agt	tct	aat	gta	aaa	gat	gtg	aca	agt	caa	ttt	gca	cct	aaa	gta	1920
Asn	Ser	Ser	Asn	Val	Lys	Asp	Val	Thr	Ser	Gln	Phe	Ala	Pro	Lys	Val	
		625					630					635				
agt	gca	gat	ggg	act	aga	gtt	gat	atc	aat	ttt	gct	aga	agt	atg	gca	1968
Ser	Ala	Asp	Gly	Thr	Arg	Val	Asp	Ile	Asn	Phe	Ala	Arg	Ser	Met	Ala	
	640					645					650					
aat	ggg	aaa	aag	tat	att	gta	act	caa	gca	gtg	aga	cca	acg	gga	act	2016
Asn	Gly	Lys	Lys	Tyr	Ile	Val	Thr	Gln	Ala	Val	Arg	Pro	Thr	Gly	Thr	
655				660						665					670	
gga	aat	gtt	tat	acc	gaa	tat	tgg	tta	aca	aga	gat	ggg	act	acc	aat	2064
Gly	Asn	Val	Tyr	Thr	Glu	Tyr	Trp	Leu	Thr	Arg	Asp	Gly	Thr	Thr	Asn	
				675				680						685		
aca	aat	gat	ttt	tac	cgt	gga	acg	aag	tct	aca	acg	gtg	act	tat	ctc	2112
Thr	Asn	Asp	Phe	Tyr	Arg	Gly	Thr	Lys	Ser	Thr	Thr	Val	Thr	Tyr	Leu	
			690					695					700			
aat	ggg	tct	tca	aca	gca	cag	ggg	gat	aat	cct	aca	tat	agt	cta	ggg	2160
Asn	Gly	Ser	Ser	Thr	Ala	Gln	Gly	Asp	Asn	Pro	Thr	Tyr	Ser	Leu	Gly	
		705					710					715				
gac	tat	gta	tgg	tta	gat	aaa	aat	aaa	aac	ggg	gtt	caa	gat	gat	gat	2208
Asp	Tyr	Val	Trp	Leu	Asp	Lys	Asn	Lys	Asn	Gly	Val	Gln	Asp	Asp	Asp	
	720					725					730					
gag	aaa	ggg	tta	gca	ggg	gtt	tat	gtt	act	ctt	aaa	gac	agt	aac	aat	2256
Glu	Lys	Gly	Leu	Ala	Gly	Val	Tyr	Val	Thr	Leu	Lys	Asp	Ser	Asn	Asn	
735					740					745					750	
aga	gaa	tta	caa	cgt	gta	act	act	gat	caa	tct	gga	cat	tat	caa	ttt	2304
Arg	Glu	Leu	Gln	Arg	Val	Thr	Thr	Asp	Gln	Ser	Gly	His	Tyr	Gln	Phe	
				755					760					765		
gat	aat	tta	caa	aat	gga	acg	tac	aca	gtc	gag	ttt	gcg	att	cct	gat	2352
Asp	Asn	Leu	Gln	Asn	Gly	Thr	Tyr	Thr	Val	Glu	Phe	Ala	Ile	Pro	Asp	
			770					775					780			
aat	tat	acg	cca	tct	ccc	gca	aat	aat	tct	aca	aat	gat	gca	ata	gat	2400
Asn	Tyr	Thr	Pro	Ser	Pro	Ala	Asn	Asn	Ser	Thr	Asn	Asp	Ala	Ile	Asp	
			785				790					795				
tca	gat	ggg	gaa	cgt	gat	ggg	aca	cgt	aaa	gta	gtt	gtt	gcc	aaa	gga	2448
Ser	Asp	Gly	Glu	Arg	Asp	Gly	Thr	Arg	Lys	Val	Val	Val	Ala	Lys	Gly	
	800					805					810					
aca	att	aat	aat	gct	gat	aat	atg	act	gta	gat	act	ggc	ttt	tat	tta	2496
Thr	Ile	Asn	Asn	Ala	Asp	Asn	Met	Thr	Val	Asp	Thr	Gly	Phe	Tyr	Leu	
815					820					825					830	
act	cct	aaa	tac	aat	gtc	gga	gat	tat	gta	tgg	gaa	gat	aca	aat	aaa	2544
Thr	Pro	Lys	Tyr	Asn	Val	Gly	Asp	Tyr	Val	Trp	Glu	Asp	Thr	Asn	Lys	

835										840					845					
gat ggt atc caa gat gac aat gaa aaa gga att tct ggt gtt aaa gta	2592																			
Asp Gly Ile Gln Asp Asp Asn Glu Lys Gly Ile Ser Gly Val Lys Val																				
850 855 860																				
acg tta aaa aat aaa aat gga gat act att ggc aca acg aca aca gat	2640																			
Thr Leu Lys Asn Lys Asn Gly Asp Thr Ile Gly Thr Thr Thr Thr Asp																				
865 870 875																				
tca aat ggt aaa tat gaa ttc aca ggt tta gag aac ggg gat tac aca	2688																			
Ser Asn Gly Lys Tyr Glu Phe Thr Gly Leu Glu Asn Gly Asp Tyr Thr																				
880 885 890																				
ata gaa ttt gag acg ccg gaa ggc tac aca ccg act aaa caa aac tcg	2736																			
Ile Glu Phe Glu Thr Pro Glu Gly Tyr Thr Pro Thr Lys Gln Asn Ser																				
895 900 905 910																				
gga agt gac gaa ggt aaa gat tca aac ggt acg aaa aca aca gtc aca	2784																			
Gly Ser Asp Glu Gly Lys Asp Ser Asn Gly Thr Lys Thr Thr Val Thr																				
915 920 925																				
gtc aaa gat gca gat aat aaa aca ata gac tca ggt ttc tac aag cca	2832																			
Val Lys Asp Ala Asp Asn Lys Thr Ile Asp Ser Gly Phe Tyr Lys Pro																				
930 935 940																				
aca tat aac tta ggt gac tat gta tgg gaa gat aca aat aaa gat ggt	2880																			
Thr Tyr Asn Leu Gly Asp Tyr Val Trp Glu Asp Thr Asn Lys Asp Gly																				
945 950 955																				
att caa gac gac agt gaa aaa ggg att tct ggg gtt aaa gtg acg tta	2928																			
Ile Gln Asp Asp Ser Glu Lys Gly Ile Ser Gly Val Lys Val Thr Leu																				
960 965 970																				
aaa gat aaa aat gga aat gcc att ggg aca acg aca aca gac gca agt	2976																			
Lys Asp Lys Asn Gly Asn Ala Ile Gly Thr Thr Thr Asp Ala Ser																				
975 980 985 990																				
ggt cat tat caa ttt aaa gga tta gaa aat gga agc tac aca gtt gag	3024																			
Gly His Tyr Gln Phe Lys Gly Leu Glu Asn Gly Ser Tyr Thr Val Glu																				
995 1000 1005																				
ttt gag aca cca tca ggt tat aca ccg aca aaa gcg aat tca ggt	3069																			
Phe Glu Thr Pro Ser Gly Tyr Thr Pro Thr Lys Ala Asn Ser Gly																				
1010 1015 1020																				
caa gat ata act gta gat tcc aac ggt ata aca aca aca ggt atc	3114																			
Gln Asp Ile Thr Val Asp Ser Asn Gly Ile Thr Thr Thr Gly Ile																				
1025 1030 1035																				
att aac gga gct gat aat ctc aca att gat agt ggt ttc tac aaa	3159																			
Ile Asn Gly Ala Asp Asn Leu Thr Ile Asp Ser Gly Phe Tyr Lys																				
1040 1045 1050																				
aca cca aaa tat agt gtc gga gat tat gta tgg gaa gat aca aat	3204																			
Thr Pro Lys Tyr Ser Val Gly Asp Tyr Val Trp Glu Asp Thr Asn																				
1055 1060 1065																				
aaa gat ggt atc caa gat gac aat gaa aag gga att tct ggt gtt	3249																			
Lys Asp Gly Ile Gln Asp Asp Asn Glu Lys Gly Ile Ser Gly Val																				
1070 1075 1080																				

:	aaa	gta	acg	tta	aag	gat	gaa	aaa	gga	aat	ata	att	agc	act	aca	3294
	Lys	Val	Thr	Leu	Lys	Asp	Glu	Lys	Gly	Asn	Ile	Ile	Ser	Thr	Thr	
				1085					1090							1095
	aca	act	gat	gaa	aat	ggg	aag	tat	caa	ttt	gat	aat	tta	gat	agt	3339
	Thr	Thr	Asp	Glu	Asn	Gly	Lys	Tyr	Gln	Phe	Asp	Asn	Leu	Asp	Ser	
				1100					1105							1110
	ggt	aat	tac	att	att	cat	ttt	gag	aaa	ccg	gaa	ggc	atg	act	caa	3384
	Gly	Asn	Tyr	Ile	Ile	His	Phe	Glu	Lys	Pro	Glu	Gly	Met	Thr	Gln	
				1115					1120							1125
	act	aca	gca	aat	tct	gga	aat	gat	gat	gaa	aaa	gat	gct	gat	ggg	3429
	Thr	Thr	Ala	Asn	Ser	Gly	Asn	Asp	Asp	Glu	Lys	Asp	Ala	Asp	Gly	
				1130					1135							1140
	gaa	gat	gtt	cgt	gtt	acg	att	act	gat	cat	gat	gac	ttt	agt	ata	3474
	Glu	Asp	Val	Arg	Val	Thr	Ile	Thr	Asp	His	Asp	Asp	Phe	Ser	Ile	
				1145					1150							1155
	gat	aat	ggt	tat	ttt	gac	gat	gat	tca	gac	agt	gac	tca	gac	gca	3519
	Asp	Asn	Gly	Tyr	Phe	Asp	Asp	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ala	
				1160					1165							1170
	gat	agt	gat	tca	gac	tca	gac	agt	gac	tcg	gac	gca	gac	agc	gat	3564
	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ala	Asp	Ser	Asp	
				1175					1180							1185
	tct	gac	gca	gac	agt	gac	tca	gac	gca	gat	agt	gat	tct	gac	tca	3609
	Ser	Asp	Ala	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ala	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	
				1190					1195							1200
	gac	agc	gac	tca	gac	gca	gat	agt	gat	tcc	gat	tca	gac	agc	gac	3654
	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ala	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	
				1205					1210							1215
	tcg	gat	tca	gat	agt	gat	tcg	gat	gca	gac	agc	gac	tcg	gat	tct	3699
	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ala	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	
				1220					1225							1230
	gac	agt	gat	tct	gac	gca	gac	agt	gac	tca	gat	tca	gac	agt	gac	3744
	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ala	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	
				1235					1240							1245
	tcg	gat	tca	gac	agc	gat	tcg	gat	tcc	gat	tca	gac	agt	gac	tcg	3789
	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	
				1250					1255							1260
	gat	tca	gac	agt	gac	tca	gac	tcc	gac	agt	gat	tcc	gat	tca	gat	3834
	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	
				1265					1270							1275
	agc	gac	tcc	gac	gca	gat	agt	gat	tcg	gac	gca	gac	agt	gac	tca	3879
	Ser	Asp	Ser	Asp	Ala	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ala	Asp	Ser	Asp	Ser	
				1280					1285							1290
	gat	tca	gac	agt	gat	tcg	gac	gca	gac	agt	gac	tcg	gac	tca	gat	3924
	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ala	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	
				1295					1300							1305
	agt	gat	tca	gat	gca	gac	agc	gat	tca	gac	tca	gat	agc	gac	tcg	3969
	Ser	Asp	Ser	Asp	Ala	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	

			1310					1315					1320			
gat	tca	gac	agc	gac	tcc	gac	gca	gac	agc	gac	tcg	gat	tca	gat		4014
Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ala	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp		
			1325					1330					1335			
agt	gat	tct	gac	tca	gac	agt	gac	tca	gat	tcc	gat	agt	gat	tcg		4059
Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser		
			1340					1345					1350			
gat	tca	gat	agt	gat	tcc	gac	gca	gac	agc	gat	tcg	gat	tcc	gat		4104
Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ala	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp		
			1355					1360					1365			
agc	gat	tca	gac	tca	gac	agc	gat	tca	gat	tca	gac	agc	gac	tca		4149
Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser		
			1370					1375					1380			
gat	tca	gat	agt	gat	tcc	gac	gca	gac	agc	gat	gca	gac	agc	gac		4194
Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ala	Asp	Ser	Asp	Ala	Asp	Ser	Asp		
			1385					1390					1395			
tca	gac	gca	gac	agt	gat	tca	gat	gca	gac	agc	gat	tct	gac	tca		4239
Ser	Asp	Ala	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ala	Asp	Ser	Ser	Ser	Asp	Ser		
			1400					1405					1410			
gat	agt	gac	tca	gac	gca	gat	agt	gat	tcc	gat	tcc	gat	agc	gat		4284
Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ala	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp		
			1415					1420					1425			
tca	gat	tct	gat	agt	gac	tca	gac	tca	gac	agt	gac	tca	gat	tcc		4329
Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser		
			1430					1435					1440			
gat	agc	gac	tcg	gat	tca	gat	agt	gat	tcc	gac	gca	gac	agt	gac		4374
Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ala	Asp	Ser	Asp		
			1445					1450					1455			
tca	gac	tca	gat	agt	gac	tcg	gat	tcc	gat	agt	gat	tcc	gac	gca		4419
Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ala		
			1460					1465					1470			
gac	agc	gat	tct	gac	tca	gat	agt	gac	tca	gac	gca	gat	agt	gat		4464
Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ala	Asp	Ser	Asp		
			1475					1480					1485			
tcc	gat	tcc	gat	agc	gat	tcg	gat	gca	gac	agc	gac	tcg	gat	tca		4509
Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ala	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser		
			1490					1495					1500			
gat	agt	gat	tcc	gac	gca	gac	agt	gac	tca	gac	tca	gat	agt	gac		4554
Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ala	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp		
			1505					1510					1515			
tcg	gat	tcc	gat	agt	gat	tcc	gac	gca	gac	agc	gat	tcg	gat	tcc		4599
Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ala	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser		
			1520					1525					1530			
gat	agc	gat	tca	gac	tcc	gac	agc	gat	tca	gat	tca	gac	agc	gac		4644
Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp		
			1535					1540					1545			

tca gat tcc gat agt gat tcc gat tca gac agt gac tcg gat tcc Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser	4689
gat agt gac tca gac tca gac agt gac tca gat tca gat agc gac Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	4734
tca gat tca gac agt gat tcg gac tca gat agt gac tcc gat tca Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser	4779
gac agt gat tcg gat tcc gat agc gat tcg gat tcc gat agt gac Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	4824
tcg gat tca gac agt gat tcg gac tca gac agc gac tcc gat tca Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser	4869
gat agt gat tcc gac tca gac agc gat tcg gat tcc gat agt gac Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	4914
tcg gat tca gac agt gat tcg gac tca gac agc gac tcc gat tca Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser	4959
gat agt gat tcc gac gca gac agc gac tcc gat tca gat agt gat Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	5004
tcg gac gca gac agc gat tcc gat agt gac tcg gat tca gac agt Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser	5049
gat tcg gac tca gac agc gat tcc gat tca gac agt gac tcg gac Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	5094
tca gat agc gac tcg gat tca gac agt gac tcg gac tca gat agt Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser	5139
gac tcc gat tca gac agc gac tcg gat tct gat aaa aat gca aaa Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Lys Asn Ala Lys	5184
gat aaa tta cct gat aca gga gca aat gaa gat cat gat tct aaa Asp Lys Leu Pro Asp Thr Gly Ala Asn Glu Asp His Asp Ser Lys	5229
ggc aca tta ctt gga act tta ttt gca ggt tta gga gca tta tta Gly Thr Leu Leu Gly Thr Leu Phe Ala Gly Leu Gly Ala Leu Leu	5274
tta gga aga cgt cgt aaa aaa gat aat aaa gaa aaa tag cac tat Leu Gly Arg Arg Arg Lys Lys Asp Asn Lys Glu Lys His Tyr	5319
tga ttc att cat aag tta ttt caa gcc agg tct ata tgg cct ggt Phe Ile His Lys Leu Phe Gln Ala Arg Ser Ile Trp Pro Gly	5364


```

:      :
1775      1780
ttg  aaa tca tat taa att gaa  agg aga aaa aga tga gta  tgg      5406
Leu  Lys Ser Tyr      Ile Glu  Arg Arg Lys Arg      Val  Trp
1785      1790      1795

<210>  2
<211> 11
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400>  2

Tyr Trp Ile Asn Tyr Ala Tyr Lys Val Phe Thr
1      5      10

<210>  3
<211> 15
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400>  3

Lys Cys Lys Cys Asn Leu Gln Val Asn Ile Gln Ile Ile Ser Leu
1      5      10      15

<210>  4
<211> 1742
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400>  4

Asn Ile Tyr Phe Asn Trp Arg Tyr Ser Met Lys Lys Arg Arg Gln Gly
1      5      10      15

Pro Ile Asn Lys Arg Val Asp Phe Leu Ser Asn Lys Val Asn Lys Tyr
      20      25      30

Ser Ile Arg Lys Phe Thr Val Gly Thr Ala Ser Ile Leu Val Gly Ala
      35      40      45

Thr Leu Met Phe Gly Ala Ala Asp Asn Glu Ala Lys Ala Ala Glu Asp
      50      55      60

Asn Gln Leu Glu Ser Ala Ser Lys Glu Glu Gln Lys Gly Ser Arg Asp
      65      70      75      80

Asn Glu Asn Ser Lys Leu Asn Gln Val Asp Leu Asp Asn Gly Ser His
      85      90      95

Ser Ser Glu Lys Thr Thr Asn Val Asn Asn Ala Thr Glu Val Lys Lys
      100      105      110

Val Glu Ala Pro Thr Thr Ser Asp Val Ser Lys Pro Lys Ala Asn Glu
      115      120      125

Ala Val Val Thr Asn Glu Ser Thr Lys Pro Lys Thr Thr Glu Ala Pro
      130      135      140

```

```

Thr Val Asn Glu Glu Ser Ile Ala Glu Thr Pro Lys Thr Ser Thr Thr
145          150          155          160

Gln Gln Asp Ser Thr Glu Lys Asn Asn Pro Ser Leu Lys Asp Asn Leu
165          170          175

Asn Ser Ser Ser Thr Thr Ser Lys Glu Ser Lys Thr Asp Glu His Ser
180          185          190

Thr Lys Gln Ala Gln Met Ser Thr Asn Lys Ser Asn Leu Asp Thr Asn
195          200          205

Asp Ser Pro Thr Gln Ser Glu Lys Thr Ser Ser Gln Ala Asn Asn Asp
210          215          220

Ser Thr Asp Asn Gln Ser Ala Pro Ser Lys Gln Leu Asp Ser Lys Pro
225          230          235          240

Ser Glu Gln Lys Val Tyr Lys Thr Lys Phe Asn Asp Glu Pro Thr Gln
245          250          255

Asp Val Glu His Thr Thr Thr Lys Leu Lys Thr Pro Ser Val Ser Thr
260          265          270

Asp Ser Ser Val Asn Asp Lys Gln Asp Tyr Thr Arg Ser Ala Val Ala
275          280          285

Ser Leu Gly Val Asp Ser Asn Glu Thr Glu Ala Ile Thr Asn Ala Val
290          295          300

Arg Asp Asn Leu Asp Leu Lys Ala Ala Ser Arg Glu Gln Ile Asn Glu
305          310          315          320

Ala Ile Ile Ala Glu Ala Leu Lys Lys Asp Phe Ser Asn Pro Asp Tyr
325          330          335

Gly Val Asp Thr Pro Leu Ala Leu Asn Arg Ser Gln Ser Lys Asn Ser
340          345          350

Pro His Lys Ser Ala Ser Pro Arg Met Asn Leu Met Ser Leu Ala Ala
355          360          365

Glu Pro Asn Ser Gly Lys Asn Val Asn Asp Lys Val Lys Ile Thr Asn
370          375          380

Pro Thr Leu Ser Leu Asn Lys Ser Asn Asn His Ala Asn Asn Val Ile
385          390          395          400

Trp Pro Thr Ser Asn Glu Gln Phe Asn Leu Lys Ala Asn Tyr Glu Leu
405          410          415

Asp Asp Ser Ile Lys Glu Gly Asp Thr Phe Thr Ile Lys Tyr Gly Gln
420          425          430

Tyr Ile Arg Pro Gly Gly Leu Glu Leu Pro Ala Ile Lys Thr Gln Leu
435          440          445

Arg Ser Lys Asp Gly Ser Ile Val Ala Asn Gly Val Tyr Asp Lys Thr
450          455          460

Thr Asn Thr Thr Thr Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Val Asp Gln Tyr Gln

```

465					470					475					480
Asn	Ile	Thr	Gly	Ser	Phe	Asp	Leu	Ile	Ala	Thr	Pro	Lys	Arg	Glu	Thr
				485					490					495	
Ala	Ile	Lys	Asp	Asn	Gln	Asn	Tyr	Pro	Met	Glu	Val	Thr	Ile	Ala	Asn
			500					505					510		
Glu	Val	Val	Lys	Lys	Asp	Phe	Ile	Val	Asp	Tyr	Gly	Asn	Lys	Lys	Asp
		515					520					525			
Asn	Thr	Thr	Thr	Ala	Ala	Val	Ala	Asn	Val	Asp	Asn	Val	Asn	Asn	Lys
	530					535					540				
His	Asn	Glu	Val	Val	Tyr	Leu	Asn	Gln	Asn	Asn	Gln	Asn	Pro	Lys	Tyr
545					550				555						560
Ala	Lys	Tyr	Phe	Ser	Thr	Val	Lys	Asn	Gly	Glu	Phe	Ile	Pro	Gly	Glu
				565					570					575	
Val	Lys	Val	Tyr	Glu	Val	Thr	Asp	Thr	Asn	Ala	Met	Val	Asp	Ser	Phe
			580					585					590		
Asn	Pro	Asp	Leu	Asn	Ser	Ser	Asn	Val	Lys	Asp	Val	Thr	Ser	Gln	Phe
		595					600					605			
Ala	Pro	Lys	Val	Ser	Ala	Asp	Gly	Thr	Arg	Val	Asp	Ile	Asn	Phe	Ala
	610					615					620				
Arg	Ser	Met	Ala	Asn	Gly	Lys	Lys	Tyr	Ile	Val	Thr	Gln	Ala	Val	Arg
625					630					635					640
Pro	Thr	Gly	Thr	Gly	Asn	Val	Tyr	Thr	Glu	Tyr	Trp	Leu	Thr	Arg	Asp
				645					650					655	
Gly	Thr	Thr	Asn	Thr	Asn	Asp	Phe	Tyr	Arg	Gly	Thr	Lys	Ser	Thr	Thr
			660					665					670		
Val	Thr	Tyr	Leu	Asn	Gly	Ser	Ser	Thr	Ala	Gln	Gly	Asp	Asn	Pro	Thr
		675					680					685			
Tyr	Ser	Leu	Gly	Asp	Tyr	Val	Trp	Leu	Asp	Lys	Asn	Lys	Asn	Gly	Val
	690					695					700				
Gln	Asp	Asp	Asp	Glu	Lys	Gly	Leu	Ala	Gly	Val	Tyr	Val	Thr	Leu	Lys
705					710					715					720
Asp	Ser	Asn	Asn	Arg	Glu	Leu	Gln	Arg	Val	Thr	Thr	Asp	Gln	Ser	Gly
				725					730					735	
His	Tyr	Gln	Phe	Asp	Asn	Leu	Gln	Asn	Gly	Thr	Tyr	Thr	Val	Glu	Phe
			740					745					750		
Ala	Ile	Pro	Asp	Asn	Tyr	Thr	Pro	Ser	Pro	Ala	Asn	Asn	Ser	Thr	Asn
		755					760					765			
Asp	Ala	Ile	Asp	Ser	Asp	Gly	Glu	Arg	Asp	Gly	Thr	Arg	Lys	Val	Val
	770					775					780				
Val	Ala	Lys	Gly	Thr	Ile	Asn	Asn	Ala	Asp	Asn	Met	Thr	Val	Asp	Thr
785					790					795					800

Gly Phe Tyr Leu Thr Pro Lys Tyr Asn Val Gly Asp Tyr Val Trp Glu
 805 810 815
 Asp Thr Asn Lys Asp Gly Ile Gln Asp Asp Asn Glu Lys Gly Ile Ser
 820 825 830
 Gly Val Lys Val Thr Leu Lys Asn Lys Asn Gly Asp Thr Ile Gly Thr
 835 840 845
 Thr Thr Thr Asp Ser Asn Gly Lys Tyr Glu Phe Thr Gly Leu Glu Asn
 850 855 860
 Gly Asp Tyr Thr Ile Glu Phe Glu Thr Pro Glu Gly Tyr Thr Pro Thr
 865 870 875 880
 Lys Gln Asn Ser Gly Ser Asp Glu Gly Lys Asp Ser Asn Gly Thr Lys
 885 890 895
 Thr Thr Val Thr Val Lys Asp Ala Asp Asn Lys Thr Ile Asp Ser Gly
 900 905 910
 Phe Tyr Lys Pro Thr Tyr Asn Leu Gly Asp Tyr Val Trp Glu Asp Thr
 915 920 925
 Asn Lys Asp Gly Ile Gln Asp Asp Ser Glu Lys Gly Ile Ser Gly Val
 930 935 940
 Lys Val Thr Leu Lys Asp Lys Asn Gly Asn Ala Ile Gly Thr Thr Thr
 945 950 955 960
 Thr Asp Ala Ser Gly His Tyr Gln Phe Lys Gly Leu Glu Asn Gly Ser
 965 970 975
 Tyr Thr Val Glu Phe Glu Thr Pro Ser Gly Tyr Thr Pro Thr Lys Ala
 980 985 990
 Asn Ser Gly Gln Asp Ile Thr Val Asp Ser Asn Gly Ile Thr Thr Thr
 995 1000 1005
 Gly Ile Ile Asn Gly Ala Asp Asn Leu Thr Ile Asp Ser Gly Phe
 1010 1015 1020
 Tyr Lys Thr Pro Lys Tyr Ser Val Gly Asp Tyr Val Trp Glu Asp
 1025 1030 1035
 Thr Asn Lys Asp Gly Ile Gln Asp Asp Asn Glu Lys Gly Ile Ser
 1040 1045 1050
 Gly Val Lys Val Thr Leu Lys Asp Glu Lys Gly Asn Ile Ile Ser
 1055 1060 1065
 Thr Thr Thr Thr Asp Glu Asn Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Asn Leu
 1070 1075 1080
 Asp Ser Gly Asn Tyr Ile Ile His Phe Glu Lys Pro Glu Gly Met
 1085 1090 1095
 Thr Gln Thr Thr Ala Asn Ser Gly Asn Asp Asp Glu Lys Asp Ala
 1100 1105 1110
 Asp Gly Glu Asp Val Arg Val Thr Ile Thr Asp His Asp Asp Phe
 1115 1120 1125

```

Ser Ile Asp Asn Gly Tyr Phe Asp Asp Asp Ser Asp Ser Asp Ser
1130 1135 1140

Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp
1145 1150 1155

Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser
1160 1165 1170

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
1175 1180 1185

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Asp Ala Asp Ser Asp Ser
1190 1195 1200

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
1205 1210 1215

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Asp Ser Asp Ser Asp Ser
1220 1225 1230

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
1235 1240 1245

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser
1250 1255 1260

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser
1265 1270 1275

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
1280 1285 1290

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser
1295 1300 1305

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Asp Ser Asp Ser Asp Ser
1310 1315 1320

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser
1325 1330 1335

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
1340 1345 1350

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ala
1355 1360 1365

Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Asp Ala Asp Ser Asp Ser
1370 1375 1380

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
1385 1390 1395

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Asp Ser Asp Ser Asp
1400 1405 1410

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp
1415 1420 1425

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser

```

1430		1435		1440
Asp Ala 1445	Asp Ser Asp Ser	Asp Ser Asp Ser Asp 1450	Asp Ser Asp Ser Asp 1455	Asp Ala Asp
Ser Asp 1460	Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ser Asp Ala 1465	Asp Ser Asp Ser 1470	
Asp Ser 1475	Asp Ser Asp Ser	Asp Ala Asp Ser Asp 1480	Ser Asp Ser Asp 1485	
Ser Asp 1490	Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ser Asp Ala 1495	Asp Ser Asp Ser 1500	
Asp Ser 1505	Asp Ser Asp Ser	Asp Ser Asp Ser Asp 1510	Ser Asp Ser Asp 1515	
Ser Asp 1520	Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ser Asp Ser 1525	Asp Ser Asp Ser 1530	
Asp Ser 1535	Asp Ser Asp Ser	Asp Ser Asp Ser Asp 1540	Ser Asp Ser Asp 1545	
Ser Asp 1550	Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ser Asp Ser 1555	Asp Ser Asp Ser 1560	
Asp Ser 1565	Asp Ser Asp Ser	Asp Ser Asp Ser Asp 1570	Ser Asp Ser Asp 1575	
Ser Asp 1580	Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ser Asp Ser 1585	Asp Ser Asp Ser 1590	
Asp Ser 1595	Asp Ser Asp Ser	Asp Ser Asp Ser Asp 1600	Ser Asp Ser Asp 1605	
Ser Asp 1610	Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ser Asp Ser 1615	Asp Ser Asp Ser 1620	
Asp Ser 1625	Asp Ser Asp Ser	Asp Ala Asp Ser Asp 1630	Ser Asp Ser Asp 1635	
Ser Asp 1640	Ser Asp Ala Asp	Ser Asp Ser Asp Ser 1645	Asp Ser Asp Ser 1650	
Asp Ser 1655	Asp Ser Asp Ser	Asp Ser Asp Ser Asp 1660	Ser Asp Ser Asp 1665	
Ser Asp 1670	Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ser Asp Ser 1675	Asp Ser Asp Ser 1680	
Asp Ser 1685	Asp Ser Asp Ser	Asp Ser Asp Ser Asp 1690	Ser Asp Ser Asp 1695	Asp Lys Asn
Ala Lys 1700	Asp Lys Leu Pro	Asp Thr Gly Ala Asn 1705	Glu Asp His Asp 1710	
Ser Lys 1715	Gly Thr Leu Leu	Gly Thr Leu Phe Ala 1720	Gly Leu Gly Ala 1725	
Leu Leu 1730	Leu Gly Arg Arg	Arg Lys Lys Asp Asn 1735	Lys Glu Lys 1740	

```

:
<210> 5
<211> 18
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 5

Phe Ile His Lys Leu Phe Gln Ala Arg Ser Ile Trp Pro Gly Leu Lys
1          5          10          15

Ser Tyr

<210> 6
<211> 6
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 6

Ile Glu Arg Arg Lys Arg
1          5

<210> 7
<211> 2976
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<220>
<221> CDS
<222> (3)..(2975)
<223>

<400> 7
at att gca aaa aag act tat ata cta tat tgt att tta ctc tag aaa      47
  Ile Ala Lys Lys Thr Tyr Ile Leu Tyr Cys Ile Leu Leu      Lys
  1          5          10

cga ttt tta ctt gaa aat tac att gaa ata gtc aaa gat aag gag ttt      95
Arg Phe Leu Leu Glu Asn Tyr Ile Glu Ile Val Lys Asp Lys Glu Phe
15          20          25          30

tta tga tta aaa aaa aat aat tta cta act aaa aag aaa cct ata gca      143
Leu      Leu Lys Lys Asn Asn Leu Leu Thr Lys Lys Lys Pro Ile Ala
          35          40          45

aat aaa tcc aat aaa tat gca att aga aaa ttc aca gta ggt aca gcg      191
Asn Lys Ser Asn Lys Tyr Ala Ile Arg Lys Phe Thr Val Gly Thr Ala
          50          55          60

tct att gta ata ggt gca gca tta ttg ttt ggt tta ggt cat aat gag      239
Ser Ile Val Ile Gly Ala Ala Leu Leu Phe Gly Leu Gly His Asn Glu
          65          70          75

gcc aaa gct gag gag aat aca gta caa gac gtt aaa gat tcg aat atg      287
Ala Lys Ala Glu Glu Asn Thr Val Gln Asp Val Lys Asp Ser Asn Met
          80          85          90

gat gat gaa tta tca gat agc aat gat cag tcc agt aat gaa gaa aag      335
Asp Asp Glu Leu Ser Asp Ser Asn Asp Gln Ser Ser Asn Glu Glu Lys

```

	95	100	105	
	aat gat gta atc aat aat agt cag tca ata aac acc gat gat gat aac			383
	Asn Asp Val Ile Asn Asn Ser Gln Ser Ile Asn Thr Asp Asp Asp Asn			
	110	115	120	125
	caa ata aaa aaa gaa gaa acg aat agc aac gat gcc ata gaa aat cgc			431
	Gln Ile Lys Lys Glu Glu Thr Asn Ser Asn Asp Ala Ile Glu Asn Arg			
		130	135	140
	tct aaa gat ata aca cag tca aca aca aat gta gat gaa aac gaa gca			479
	Ser Lys Asp Ile Thr Gln Ser Thr Thr Asn Val Asp Glu Asn Glu Ala			
		145	150	155
	aca ttt tta caa aag acc cct caa gat aat act cag ctt aaa gaa gaa			527
	Thr Phe Leu Gln Lys Thr Pro Gln Asp Asn Thr Gln Leu Lys Glu Glu			
		160	165	170
	gtg gta aaa gaa ccc tca tca gtc gaa tcc tca aat tca tca atg gat			575
	Val Val Lys Glu Pro Ser Ser Val Glu Ser Ser Asn Ser Ser Met Asp			
		175	180	185
	act gcc caa caa cca tct cat aca aca ata aat agt gaa gca tct att			623
	Thr Ala Gln Gln Pro Ser His Thr Thr Ile Asn Ser Glu Ala Ser Ile			
		190	195	200
	caa aca agt gat aat gaa gaa aat tcc cgc gta tca gat ttt gct aac			671
	Gln Thr Ser Asp Asn Glu Glu Asn Ser Arg Val Ser Asp Phe Ala Asn			
		210	215	220
	tct aaa ata ata gag agt aac act gaa tcc aat aaa gaa gag aat act			719
	Ser Lys Ile Ile Glu Ser Asn Thr Glu Ser Asn Lys Glu Glu Asn Thr			
		225	230	235
	ata gag caa cct aac aaa gta aga gaa gat tca ata aca agt caa ccg			767
	Ile Glu Gln Pro Asn Lys Val Arg Glu Asp Ser Ile Thr Ser Gln Pro			
		240	245	250
	tct agc tat aaa aat ata gat gaa aaa att tca aat caa gat gag tta			815
	Ser Ser Tyr Lys Asn Ile Asp Glu Lys Ile Ser Asn Gln Asp Glu Leu			
		255	260	265
	tta aat tta cca ata aat gaa tat gaa aat aag gtt aga ccg tta tct			863
	Leu Asn Leu Pro Ile Asn Glu Tyr Glu Asn Lys Val Arg Pro Leu Ser			
		270	275	280
	aca aca tct gcc caa cca tcg agt aag cgt gta acc gta aat caa tta			911
	Thr Thr Ser Ala Gln Pro Ser Ser Lys Arg Val Thr Val Asn Gln Leu			
		290	295	300
	gcg gca gaa caa ggt tcg aat gtt aat cat tta att aaa gtt act gat			959
	Ala Ala Glu Gln Gly Ser Asn Val Asn His Leu Ile Lys Val Thr Asp			
		305	310	315
	caa agt att act gaa gga tat gat gat agt gat ggt att att aaa gca			1007
	Gln Ser Ile Thr Glu Gly Tyr Asp Asp Ser Asp Gly Ile Ile Lys Ala			
		320	325	330
	cat gat gct gaa aac tta atc tat gat gta act ttt gaa gta gat gat			1055
	His Asp Ala Glu Asn Leu Ile Tyr Asp Val Thr Phe Glu Val Asp Asp			
		335	340	345

aag	gtg	aaa	tct	ggt	gat	acg	atg	aca	gtg	aat	ata	gat	aag	aat	aca	1103
Lys	Val	Lys	Ser	Gly	Asp	Thr	Met	Thr	Val	Asn	Ile	Asp	Lys	Asn	Thr	
350					355					360					365	
gtt	cca	tca	gat	tta	acc	gat	agt	ttt	gca	ata	cca	aaa	ata	aaa	gat	1151
Val	Pro	Ser	Asp	Leu	Thr	Asp	Ser	Phe	Ala	Ile	Pro	Lys	Ile	Lys	Asp	
				370					375					380		
aat	tct	gga	gaa	atc	atc	gct	aca	ggt	act	tat	gac	aac	aca	aat	aaa	1199
Asn	Ser	Gly	Glu	Ile	Ile	Ala	Thr	Gly	Thr	Tyr	Asp	Asn	Thr	Asn	Lys	
			385					390					395			
caa	att	acc	tac	act	ttt	aca	gat	tat	gta	gat	aaa	tat	gaa	aat	att	1247
Gln	Ile	Thr	Tyr	Thr	Phe	Thr	Asp	Tyr	Val	Asp	Lys	Tyr	Glu	Asn	Ile	
		400					405					410				
aaa	gcg	cac	ctt	aaa	tta	aca	tca	tac	att	gat	aaa	tca	aag	gtt	cca	1295
Lys	Ala	His	Leu	Lys	Leu	Thr	Ser	Tyr	Ile	Asp	Lys	Ser	Lys	Val	Pro	
	415					420					425					
aat	aat	aac	act	aag	tta	gat	gta	gaa	tat	aag	acg	gcc	ctt	tca	tca	1343
Asn	Asn	Asn	Thr	Lys	Leu	Asp	Val	Glu	Tyr	Lys	Thr	Ala	Leu	Ser	Ser	
430					435					440					445	
gta	aat	aaa	aca	att	acg	gtt	gaa	tat	caa	aaa	cct	aac	gaa	aat	cgg	1391
Val	Asn	Lys	Thr	Ile	Thr	Val	Glu	Tyr	Gln	Lys	Pro	Asn	Glu	Asn	Arg	
				450					455					460		
act	gct	aac	ctt	caa	agt	atg	ttc	aca	aac	ata	gat	acg	aaa	aac	cat	1439
Thr	Ala	Asn	Leu	Gln	Ser	Met	Phe	Thr	Asn	Ile	Asp	Thr	Lys	Asn	His	
			465					470					475			
aca	gtt	gag	caa	acg	att	tat	att	aac	cct	ctt	cgt	tat	tca	gcc	aaa	1487
Thr	Val	Glu	Gln	Thr	Ile	Tyr	Ile	Asn	Pro	Leu	Arg	Tyr	Ser	Ala	Lys	
		480					485					490				
gaa	aca	aat	gta	aat	att	tca	ggg	aat	ggc	gat	gaa	ggt	tca	aca	att	1535
Glu	Thr	Asn	Val	Asn	Ile	Ser	Gly	Asn	Gly	Asp	Glu	Gly	Ser	Thr	Ile	
	495					500					505					
atc	gac	gat	agt	aca	atc	att	aaa	gtt	tat	aag	gtt	gga	gat	aat	caa	1583
Ile	Asp	Asp	Ser	Thr	Ile	Ile	Lys	Val	Tyr	Lys	Val	Gly	Asp	Asn	Gln	
510					515					520					525	
aat	tta	cca	gat	agt	aac	aga	att	tat	gat	tac	agt	gaa	tat	gaa	gat	1631
Asn	Leu	Pro	Asp	Ser	Asn	Arg	Ile	Tyr	Asp	Tyr	Ser	Glu	Tyr	Glu	Asp	
				530					535					540		
gtc	aca	aat	gat	gat	tat	gcc	caa	tta	gga	aat	aat	aat	gac	gtg	aat	1679
Val	Thr	Asn	Asp	Asp	Tyr	Ala	Gln	Leu	Gly	Asn	Asn	Asn	Asp	Val	Asn	
				545				550					555			
att	aat	ttt	ggt	aat	ata	gat	tca	cca	tat	att	att	aaa	gtt	att	agt	1727
Ile	Asn	Phe	Gly	Asn	Ile	Asp	Ser	Pro	Tyr	Ile	Ile	Lys	Val	Ile	Ser	
		560					565					570				
aaa	tat	gac	cct	aat	aag	gac	gat	tac	acg	acg	ata	cag	caa	act	gtg	1775
Lys	Tyr	Asp	Pro	Asn	Lys	Asp	Asp	Tyr	Thr	Thr	Ile	Gln	Gln	Thr	Val	
	575					580					585					
aca	atg	caa	acg	act	ata	aat	gag	tat	act	ggt	gag	ttt	aga	aca	gca	1823
Thr	Met	Gln	Thr	Thr	Ile	Asn	Glu	Tyr	Thr	Gly	Glu	Phe	Arg	Thr	Ala	

590	595	600	605	
tcc tat gat aat aca att gct ttc tct aca agt tca ggt caa gga caa				1871
Ser Tyr Asp Asn Thr Ile Ala Phe Ser Thr Ser Ser Gly Gln Gly Gln	610	615	620	
ggt gac ttg cct cct gaa aaa act tat aaa atc gga gat tac gta tgg				1919
Gly Asp Leu Pro Pro Glu Lys Thr Tyr Lys Ile Gly Asp Tyr Val Trp	625	630	635	
gaa gat gta gat aaa gat ggt att caa aat aca aat gat aat gaa aaa				1967
Glu Asp Val Asp Lys Asp Gly Ile Gln Asn Thr Asn Asp Asn Glu Lys	640	645	650	
ccg ctt agt aat gta ttg gta act ttg acg tat cct gat gga act tca				2015
Pro Leu Ser Asn Val Leu Val Thr Leu Thr Tyr Pro Asp Gly Thr Ser	655	660	665	
aaa tca gtc aga aca gat gaa gag ggg aaa tat caa ttt gat ggg tta				2063
Lys Ser Val Arg Thr Asp Glu Glu Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Gly Leu	670	675	680	685
aaa aac gga ttg act tat aaa att aca ttc gaa aca ccg gaa gga tat				2111
Lys Asn Gly Leu Thr Tyr Lys Ile Thr Phe Glu Thr Pro Glu Gly Tyr	690	695	700	
acg ccg acg ctt aaa cat tca gga aca aat cct gca cta gac tca gaa				2159
Thr Pro Thr Leu Lys His Ser Gly Thr Asn Pro Ala Leu Asp Ser Glu	705	710	715	
ggc aat tct gta tgg gta act att aac gga caa gac gat atg act att				2207
Gly Asn Ser Val Trp Val Thr Ile Asn Gly Gln Asp Asp Met Thr Ile	720	725	730	
gat agc gga ttt tat caa aca cct aaa tat agc tta ggg aac tat gta				2255
Asp Ser Gly Phe Tyr Gln Thr Pro Lys Tyr Ser Leu Gly Asn Tyr Val	735	740	745	
tgg tat gac act aat aaa gat ggt att caa ggt gat gat gaa aaa gga				2303
Trp Tyr Asp Thr Asn Lys Asp Gly Ile Gln Gly Asp Asp Glu Lys Gly	750	755	760	765
atc tct gga gta aaa gtg acg tta aaa gat gaa aac gga aat atc att				2351
Ile Ser Gly Val Lys Val Thr Leu Lys Asp Glu Asn Gly Asn Ile Ile	770	775	780	
agt aca aca aca act gat gaa aat gga aag tat caa ttt gat aat tta				2399
Ser Thr Thr Thr Thr Asp Glu Asn Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Asn Leu	785	790	795	
aat agt ggt aat tat att gtt cat ttt gat aaa cct tca ggt atg act				2447
Asn Ser Gly Asn Tyr Ile Val His Phe Asp Lys Pro Ser Gly Met Thr	800	805	810	
caa aca aca aca gat tct ggt gat gat gac gaa cag gat gct gat ggg				2495
Gln Thr Thr Thr Asp Ser Gly Asp Asp Asp Glu Gln Asp Ala Asp Gly	815	820	825	
gaa gaa gtc cat gta aca att act gat cat gat gac ttt agt ata gat				2543
Glu Glu Val His Val Thr Ile Thr Asp His Asp Asp Phe Ser Ile Asp	830	835	840	845

```

:  aac gga tac tat gat gac gac tca gat tca gat agt gat tca gac tca      2591
   Asn Gly Tyr Tyr  Asp Asp Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
                        850                        855                        860

   gat agc gac gac tca gac tcc gat agc gat tcc gac tca gac agc gac      2639
   Asp Ser Asp Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
                        865                        870                        875

   tca gat tcc gat agt gat tca gat tca gac agt gac tca gac tca gat      2687
   Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
                        880                        885                        890

   agt gat tca gat tca gac agc gat tcc gac tca gac agt gac tca gga      2735
   Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
                        895                        900                        905

   tta gac aat agc tca gat aag aat aca aaa gat aaa tta ccg gat aca      2783
   Leu Asp Asn Ser Ser Asp Lys Asn Thr Lys Asp Lys Leu Pro Asp Thr
   910                        915                        920                        925

   gga gct aat gaa gat cat gat tct aaa ggc aca tta ctt gga gct tta      2831
   Gly Ala Asn Glu Asp His Asp Ser Lys Gly Thr Leu Leu Gly Ala Leu
                        930                        935                        940

   ttt gca ggt tta gga gcg tta tta tta ggg aag cgt cgc aaa aat aga      2879
   Phe Ala Gly Leu Gly Ala Leu Leu Leu Gly Lys Arg Arg Lys Asn Arg
                        945                        950                        955

   aaa aat aaa aat taa att att caa atg aaa tta gtg aaa gaa gca gat      2927
   Lys Asn Lys Asn      Ile Ile Gln Met Lys Leu Val Lys Glu Ala Asp
                        960                        965                        970

   acg aca ttt gaa tag aaa gta tat tta gtc caa caa ata taa ggt gtt g      2976
   Thr Thr Phe Glu      Lys Val Tyr Leu Val Gln Gln Ile      Gly Val
                        975                        980                        985

```

```

<210> 8
<211> 13
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

```

```

<400> 8

```

```

Ile Ala Lys Lys Thr Tyr Ile Leu Tyr Cys Ile Leu Leu
1                5                10

```

```

<210> 9
<211> 18
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

```

```

<400> 9

```

```

Lys Arg Phe Leu Leu Glu Asn Tyr Ile Glu Ile Val Lys Asp Lys Glu
1                5                10                15

```

```

Phe Leu

```

```

: <210> 10
  <211> 930
  <212> PRT
  <213> Staphylococcus epidermidis

<400> 10

Leu Lys Lys Asn Asn Leu Leu Thr Lys Lys Lys Pro Ile Ala Asn Lys
1          5          10          15

Ser Asn Lys Tyr Ala Ile Arg Lys Phe Thr Val Gly Thr Ala Ser Ile
20          25          30

Val Ile Gly Ala Ala Leu Leu Phe Gly Leu Gly His Asn Glu Ala Lys
35          40          45

Ala Glu Glu Asn Thr Val Gln Asp Val Lys Asp Ser Asn Met Asp Asp
50          55          60

Glu Leu Ser Asp Ser Asn Asp Gln Ser Ser Asn Glu Glu Lys Asn Asp
65          70          75          80

Val Ile Asn Asn Ser Gln Ser Ile Asn Thr Asp Asp Asp Asn Gln Ile
85          90          95

Lys Lys Glu Glu Thr Asn Ser Asn Asp Ala Ile Glu Asn Arg Ser Lys
100         105         110

Asp Ile Thr Gln Ser Thr Thr Asn Val Asp Glu Asn Glu Ala Thr Phe
115         120         125

Leu Gln Lys Thr Pro Gln Asp Asn Thr Gln Leu Lys Glu Glu Val Val
130         135         140

Lys Glu Pro Ser Ser Val Glu Ser Ser Asn Ser Ser Met Asp Thr Ala
145         150         155         160

Gln Gln Pro Ser His Thr Thr Ile Asn Ser Glu Ala Ser Ile Gln Thr
165         170         175

Ser Asp Asn Glu Glu Asn Ser Arg Val Ser Asp Phe Ala Asn Ser Lys
180         185         190

Ile Ile Glu Ser Asn Thr Glu Ser Asn Lys Glu Glu Asn Thr Ile Glu
195         200         205

Gln Pro Asn Lys Val Arg Glu Asp Ser Ile Thr Ser Gln Pro Ser Ser
210         215         220

```

```

:      :
Tyr Lys Asn Ile Asp Glu Lys Ile Ser Asn Gln Asp Glu Leu Leu Asn
225      230      235      240

Leu Pro Ile Asn Glu Tyr Glu Asn Lys Val Arg Pro Leu Ser Thr Thr
      245      250      255

Ser Ala Gln Pro Ser Ser Lys Arg Val Thr Val Asn Gln Leu Ala Ala
      260      265      270

Glu Gln Gly Ser Asn Val Asn His Leu Ile Lys Val Thr Asp Gln Ser
      275      280      285

Ile Thr Glu Gly Tyr Asp Asp Ser Asp Gly Ile Ile Lys Ala His Asp
      290      295      300

Ala Glu Asn Leu Ile Tyr Asp Val Thr Phe Glu Val Asp Asp Lys Val
      305      310      315      320

Lys Ser Gly Asp Thr Met Thr Val Asn Ile Asp Lys Asn Thr Val Pro
      325      330      335

Ser Asp Leu Thr Asp Ser Phe Ala Ile Pro Lys Ile Lys Asp Asn Ser
      340      345      350

Gly Glu Ile Ile Ala Thr Gly Thr Tyr Asp Asn Thr Asn Lys Gln Ile
      355      360      365

Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val Asp Lys Tyr Glu Asn Ile Lys Ala
      370      375      380

His Leu Lys Leu Thr Ser Tyr Ile Asp Lys Ser Lys Val Pro Asn Asn
      385      390      395      400

Asn Thr Lys Leu Asp Val Glu Tyr Lys Thr Ala Leu Ser Ser Val Asn
      405      410      415

Lys Thr Ile Thr Val Glu Tyr Gln Lys Pro Asn Glu Asn Arg Thr Ala
      420      425      430

Asn Leu Gln Ser Met Phe Thr Asn Ile Asp Thr Lys Asn His Thr Val
      435      440      445

Glu Gln Thr Ile Tyr Ile Asn Pro Leu Arg Tyr Ser Ala Lys Glu Thr
      450      455      460

Asn Val Asn Ile Ser Gly Asn Gly Asp Glu Gly Ser Thr Ile Ile Asp

```

465					470					475					480
Asp	Ser	Thr	Ile	Ile	Lys	Val	Tyr	Lys	Val	Gly	Asp	Asn	Gln	Asn	Leu
			485						490					495	
Pro	Asp	Ser	Asn	Arg	Ile	Tyr	Asp	Tyr	Ser	Glu	Tyr	Glu	Asp	Val	Thr
			500					505					510		
Asn	Asp	Asp	Tyr	Ala	Gln	Leu	Gly	Asn	Asn	Asn	Asp	Val	Asn	Ile	Asn
		515					520					525			
Phe	Gly	Asn	Ile	Asp	Ser	Pro	Tyr	Ile	Ile	Lys	Val	Ile	Ser	Lys	Tyr
	530					535					540				
Asp	Pro	Asn	Lys	Asp	Asp	Tyr	Thr	Thr	Ile	Gln	Gln	Thr	Val	Thr	Met
545					550					555					560
Gln	Thr	Thr	Ile	Asn	Glu	Tyr	Thr	Gly	Glu	Phe	Arg	Thr	Ala	Ser	Tyr
				565					570						575
Asp	Asn	Thr	Ile	Ala	Phe	Ser	Thr	Ser	Ser	Gly	Gln	Gly	Gln	Gly	Asp
			580					585					590		
Leu	Pro	Pro	Glu	Lys	Thr	Tyr	Lys	Ile	Gly	Asp	Tyr	Val	Trp	Glu	Asp
		595					600					605			
Val	Asp	Lys	Asp	Gly	Ile	Gln	Asn	Thr	Asn	Asp	Asn	Glu	Lys	Pro	Leu
	610					615					620				
Ser	Asn	Val	Leu	Val	Thr	Leu	Thr	Tyr	Pro	Asp	Gly	Thr	Ser	Lys	Ser
625					630					635					640
Val	Arg	Thr	Asp	Glu	Glu	Gly	Lys	Tyr	Gln	Phe	Asp	Gly	Leu	Lys	Asn
				645					650					655	
Gly	Leu	Thr	Tyr	Lys	Ile	Thr	Phe	Glu	Thr	Pro	Glu	Gly	Tyr	Thr	Pro
			660					665					670		
Thr	Leu	Lys	His	Ser	Gly	Thr	Asn	Pro	Ala	Leu	Asp	Ser	Glu	Gly	Asn
		675					680					685			
Ser	Val	Trp	Val	Thr	Ile	Asn	Gly	Gln	Asp	Asp	Met	Thr	Ile	Asp	Ser
	690					695					700				
Gly	Phe	Tyr	Gln	Thr	Pro	Lys	Tyr	Ser	Leu	Gly	Asn	Tyr	Val	Trp	Tyr
705					710					715					720

```

      .
      .
Asp Thr Asn Lys Asp Gly Ile Gln Gly Asp Asp Glu Lys Gly Ile Ser
      725                                730                                735

Gly Val Lys Val Thr Leu Lys Asp Glu Asn Gly Asn Ile Ile Ser Thr
      740                                745                                750

Thr Thr Thr Asp Glu Asn Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Asn Leu Asn Ser
      755                                760                                765

Gly Asn Tyr Ile Val His Phe Asp Lys Pro Ser Gly Met Thr Gln Thr
      770                                775                                780

Thr Thr Asp Ser Gly Asp Asp Asp Glu Gln Asp Ala Asp Gly Glu Glu
      785                                790                                795                                800

Val His Val Thr Ile Thr Asp His Asp Asp Phe Ser Ile Asp Asn Gly
      805                                810                                815

Tyr Tyr Asp Asp Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
      820                                825                                830

Asp Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
      835                                840                                845

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
      850                                855                                860

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Gly Leu Asp
      865                                870                                875                                880

Asn Ser Ser Asp Lys Asn Thr Lys Asp Lys Leu Pro Asp Thr Gly Ala
      885                                890                                895

Asn Glu Asp His Asp Ser Lys Gly Thr Leu Leu Gly Ala Leu Phe Ala
      900                                905                                910

Gly Leu Gly Ala Leu Leu Leu Gly Lys Arg Arg Lys Asn Arg Lys Asn
      915                                920                                925

Lys Asn
      930

```

```

<210> 11
<211> 15
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

```

<400> 11

Ile Ile Gln Met Lys Leu Val Lys Glu Ala Asp Thr Thr Phe Glu
1 5 10 15

<210> 12

<211> 8

<212> PRT

<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 12

Lys Val Tyr Leu Val Gln Gln Ile
1 5

<210> 13

<211> 1464

<212> DNA

<213> Staphylococcus epidermidis

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1464)

<223>

<400> 13

atg aaa aag ttt aac att aaa cat tca ttt atg ctt acg ggc ttt gct 48
Met Lys Lys Phe Asn Ile Lys His Ser Phe Met Leu Thr Gly Phe Ala
1 5 10 15

ttc atg gta act aca tca tta ttc agt cac caa gca cat gct gaa ggt 96
Phe Met Val Thr Thr Ser Leu Phe Ser His Gln Ala His Ala Glu Gly
20 25 30

aat cat cct att gac att aat ttt tct aaa gat caa att gat aga aat 144
Asn His Pro Ile Asp Ile Asn Phe Ser Lys Asp Gln Ile Asp Arg Asn
35 40 45

aca gct aag agc aat att atc aat cga gtg aat gac act agt cgc aca 192
Thr Ala Lys Ser Asn Ile Ile Asn Arg Val Asn Asp Thr Ser Arg Thr
50 55 60

gga att agt atg aat tcg gat aat gat tta gat aca gat atc gtt tca 240
Gly Ile Ser Met Asn Ser Asp Asn Asp Leu Asp Thr Asp Ile Val Ser
65 70 75 80

aat agt gac tca gaa aat gac aca tat tta gat agt gat tca gat tca 288
Asn Ser Asp Ser Glu Asn Asp Thr Tyr Leu Asp Ser Asp Ser Asp Ser
85 90 95

gac agt gac tca gat tca gat agt gac tca gat tca gat agt gac tca 336
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
100 105 110

gat tca gat agt gac tca gat tca gac agt gat tca gac tca gat agt 384
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
115 120 125

gac tca gat tca gac agt gat tca gac tca gat agt gat tca gat tca 432
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser

130	135	140	
gac agt gat tca gat tca gac agt gac tca gac tca gac agt gat tca			480
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser			
145	150	155	160
gat tca gat agt gat tca gat tca gat agt gat tca gat tca gat agt			528
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser			
165	170		175
gat tca gat tca gac agt gac tca gac tca gac agt gat tca gat tca			576
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser			
180	185		190
gat agt gat tca gac tca gat agt gac tca gat tca gat agt gat tca			624
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser			
195	200		205
gac tct ggt aca agt tca ggt aag ggt tca cat acc gga aaa aaa cct			672
Asp Ser Gly Thr Ser Ser Gly Lys Gly Ser His Thr Gly Lys Lys Pro			
210	215		220
ggt aac cct aaa gga aat aca aat aga cct tct caa aga cat acg aat			720
Gly Asn Pro Lys Gly Asn Thr Asn Arg Pro Ser Gln Arg His Thr Asn			
225	230		235
caa ccc caa agg cct aaa tac aat caa aca aat caa aac aat ata aac			768
Gln Pro Gln Arg Pro Lys Tyr Asn Gln Thr Asn Gln Asn Asn Ile Asn			
245	250		255
aat ata aac cat aat att aat cat aca cgt act agt gga gat ggt gcg			816
Asn Ile Asn His Asn Ile Asn His Thr Arg Thr Ser Gly Asp Gly Ala			
260	265		270
cct ttt aaa cgt caa caa aat att att aat tct aat tca ggt cat aga			864
Pro Phe Lys Arg Gln Gln Asn Ile Ile Asn Ser Asn Ser Gly His Arg			
275	280		285
aat caa aat aat ata aat caa ttt ata tgg aac aaa aat ggc ttt ttt			912
Asn Gln Asn Asn Ile Asn Gln Phe Ile Trp Asn Lys Asn Gly Phe Phe			
290	295		300
aaa tct caa aat aat acc gaa cat aga atg aat agt agc gat aat acc			960
Lys Ser Gln Asn Asn Thr Glu His Arg Met Asn Ser Ser Asp Asn Thr			
305	310		315
aat tca tta att agc aga ttc aga caa tta gcc acg ggt gct tat aag			1008
Asn Ser Leu Ile Ser Arg Phe Arg Gln Leu Ala Thr Gly Ala Tyr Lys			
325	330		335
tac aat ccg ttt ttg att aat caa gta aaa aat ttg aat caa tta gat			1056
Tyr Asn Pro Phe Leu Ile Asn Gln Val Lys Asn Leu Asn Gln Leu Asp			
340	345		350
gga aag gtg aca gat agt gac att tat agc ttg ttt aga aag caa tca			1104
Gly Lys Val Thr Asp Ser Asp Ile Tyr Ser Leu Phe Arg Lys Gln Ser			
355	360		365
ttt aga gga aat gaa tat tta aat tca tta caa aaa ggg aca agc tat			1152
Phe Arg Gly Asn Glu Tyr Leu Asn Ser Leu Gln Lys Gly Thr Ser Tyr			
370	375		380

```

.   ttc  aga  ttt  caa  tat  ttt  aat  cca  ctt  aat  tct  agt  aaa  tac  tat  gaa      1200
Phe  Arg  Phe  Gln  Tyr  Phe  Asn  Pro  Leu  Asn  Ser  Ser  Lys  Tyr  Tyr  Glu
385                                390                                395                                400

aat  tta  gat  gat  cag  gtt  tta  gct  tta  att  aca  gga  gaa  atc  ggc  tca      1248
Asn  Leu  Asp  Asp  Gln  Val  Leu  Ala  Leu  Ile  Thr  Gly  Glu  Ile  Gly  Ser
405                                410                                415

atg  cca  gaa  ctt  aaa  aaa  cct  acg  gat  aaa  gaa  gat  aaa  aat  cat  agc      1296
Met  Pro  Glu  Leu  Lys  Lys  Pro  Thr  Asp  Lys  Glu  Asp  Lys  Asn  His  Ser
420                                425                                430

gcc  ttc  aaa  aac  cat  agt  gca  gat  gag  ata  aca  aca  aat  aat  gat  gga      1344
Ala  Phe  Lys  Asn  His  Ser  Ala  Asp  Glu  Ile  Thr  Thr  Asn  Asn  Asp  Gly
435                                440                                445

cac  tcc  aaa  gat  tat  gat  aag  aaa  aag  aaa  ata  cat  cga  agt  ctt  tta      1392
His  Ser  Lys  Asp  Tyr  Asp  Lys  Lys  Lys  Lys  Ile  His  Arg  Ser  Leu  Leu
450                                455                                460

tcg  tta  agt  att  gca  ata  att  gga  att  ttt  cta  gga  gtc  act  gga  cta      1440
Ser  Leu  Ser  Ile  Ala  Ile  Ile  Gly  Ile  Phe  Leu  Gly  Val  Thr  Gly  Leu
465                                470                                475                                480

tat  atc  ttt  aga  aga  aaa  aag  taa      1464
Tyr  Ile  Phe  Arg  Arg  Lys  Lys
485

<210>  14
<211>  487
<212>  PRT
<213>  Staphylococcus epidermidis

<400>  14

Met  Lys  Lys  Phe  Asn  Ile  Lys  His  Ser  Phe  Met  Leu  Thr  Gly  Phe  Ala
1                                5                                10                                15

Phe  Met  Val  Thr  Thr  Ser  Leu  Phe  Ser  His  Gln  Ala  His  Ala  Glu  Gly
20                                25                                30

Asn  His  Pro  Ile  Asp  Ile  Asn  Phe  Ser  Lys  Asp  Gln  Ile  Asp  Arg  Asn
35                                40                                45

Thr  Ala  Lys  Ser  Asn  Ile  Ile  Asn  Arg  Val  Asn  Asp  Thr  Ser  Arg  Thr
50                                55                                60

Gly  Ile  Ser  Met  Asn  Ser  Asp  Asn  Asp  Leu  Asp  Thr  Asp  Ile  Val  Ser
65                                70                                75                                80

Asn  Ser  Asp  Ser  Glu  Asn  Asp  Thr  Tyr  Leu  Asp  Ser  Asp  Ser  Asp  Ser
85                                90                                95

Asp  Ser  Asp  Ser  Asp  Ser  Asp  Ser  Asp  Ser  Asp  Ser  Asp  Ser  Asp  Ser
100                                105                                110

```

```

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
115 120 125

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
130 135 140

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
145 150 155 160

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
165 170 175

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
180 185 190

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
195 200 205

Asp Ser Gly Thr Ser Ser Gly Lys Gly Ser His Thr Gly Lys Lys Pro
210 215 220

Gly Asn Pro Lys Gly Asn Thr Asn Arg Pro Ser Gln Arg His Thr Asn
225 230 235 240

Gln Pro Gln Arg Pro Lys Tyr Asn Gln Thr Asn Gln Asn Asn Ile Asn
245 250 255

Asn Ile Asn His Asn Ile Asn His Thr Arg Thr Ser Gly Asp Gly Ala
260 265 270

Pro Phe Lys Arg Gln Gln Asn Ile Ile Asn Ser Asn Ser Gly His Arg
275 280 285

Asn Gln Asn Asn Ile Asn Gln Phe Ile Trp Asn Lys Asn Gly Phe Phe
290 295 300

Lys Ser Gln Asn Asn Thr Glu His Arg Met Asn Ser Ser Asp Asn Thr
305 310 315 320

Asn Ser Leu Ile Ser Arg Phe Arg Gln Leu Ala Thr Gly Ala Tyr Lys
325 330 335

Tyr Asn Pro Phe Leu Ile Asn Gln Val Lys Asn Leu Asn Gln Leu Asp
340 345 350

```

```

: Gly Lys Val Thr Asp Ser Asp Ile Tyr Ser Leu Phe Arg Lys Gln Ser
   355                               360                               365

Phe Arg Gly Asn Glu Tyr Leu Asn Ser Leu Gln Lys Gly Thr Ser Tyr
   370                               375                               380

Phe Arg Phe Gln Tyr Phe Asn Pro Leu Asn Ser Ser Lys Tyr Tyr Glu
   385                               390                               395                               400

Asn Leu Asp Asp Gln Val Leu Ala Leu Ile Thr Gly Glu Ile Gly Ser
   405                               410                               415

Met Pro Glu Leu Lys Lys Pro Thr Asp Lys Glu Asp Lys Asn His Ser
   420                               425                               430

Ala Phe Lys Asn His Ser Ala Asp Glu Ile Thr Thr Asn Asn Asp Gly
   435                               440                               445

His Ser Lys Asp Tyr Asp Lys Lys Lys Lys Ile His Arg Ser Leu Leu
   450                               455                               460

Ser Leu Ser Ile Ala Ile Ile Gly Ile Phe Leu Gly Val Thr Gly Leu
   465                               470                               475                               480

Tyr Ile Phe Arg Arg Lys Lys
   485

```

```

<210> 15
<211> 18
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

```

```

<220>
<221> misc_feature
<222> (12)..(12)
<223> n=(a or c or t or g)

```

```

<220>
<221> misc_feature
<222> (6)..(6)
<223> n=(a or c or t or g)

```

```

<400> 15
gaytcngayt cngayagy

```

18

```

<210> 16
<211> 9
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis
<400> 16

```

```

: Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val Asp
1           5

```

```

<210> 17
<211> 5
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

```

```

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (3)..(3)
<223> Xaa can be any amino acid

```

```

<400> 17

```

```

Leu Pro Xaa Thr Gly
1           5

```

```

<210> 18
<211> 60
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

```

```

<400> 18

```

```

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Lys Asn
1           5           10           15

```

```

Ala Lys Asp Lys Leu Pro Asp Thr Gly Ala Asn Glu Asp His Asp Ser
20           25           30

```

```

Lys Gly Thr Leu Leu Gly Thr Leu Phe Ala Gly Leu Gly Ala Leu Leu
35           40           45

```

```

Leu Gly Arg Arg Arg Lys Lys Asp Asn Lys Glu Lys
50           55           60

```

```

<210> 19
<211> 60
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

```

```

<400> 19

```

```

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Gly Leu Asp Asn Ser Ser Asp Lys Asn
1           5           10           15

```

```

Thr Lys Asp Lys Leu Pro Asp Thr Gly Ala Asn Glu Asp His Asp Ser
20           25           30

```

```

Lys Gly Thr Leu Leu Gly Ala Leu Phe Ala Gly Leu Gly Ala Leu Leu
35           40           45

```

. Leu Gly Lys Arg Arg Lys Asn Arg Lys Asn Lys Asn
50 55 60

<210> 20
<211> 60
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 20

Asp Lys Asn His Ser Ala Phe Lys Asn His Ser Ala Asp Glu Ile Thr
1 5 10 15

Thr Asn Asn Asp Gly His Ser Lys Asp Tyr Asp Lys Lys Lys Lys Ile
20 25 30

His Arg Ser Leu Leu Ser Leu Ser Ile Ala Ile Ile Gly Ile Phe Leu
35 40 45

Gly Val Thr Gly Leu Tyr Ile Phe Arg Arg Lys Lys
50 55 60

<210> 21
<211> 18
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 21
gatgatgaat tatcagac 18

<210> 22
<211> 19
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 22
caggaggcaa gtcaccttg 19

<210> 23
<211> 27
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 23
gccggatccc caattccaga ggattca 27

<210> 24
<211> 27
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 24

```

. gccaaagctta ttgttagaac ctgactc 27

<210> 25
<211> 17
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 25
gattcagata gccattc 17

<210> 26
<211> 17
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 26
ctgagtcact gtctgag 17

<210> 27
<211> 28
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 27
cccggatccg ctgaagacaa tcaattag 28

<210> 28
<211> 27
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 28
cccaagctta attatcccc tgtgctg 27

<210> 29
<211> 31
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 29
cccggatccg aggagaatac agtacaagac g 31

<210> 30
<211> 33
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 30
cccgggtacct agtttttcag gaggcaagtc acc 33

<210> 31
<211> 30
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 31
cccggatccg aaggtaatca tcctattgac 30

```

```

. <210> 32
  <211> 37
  <212> DNA
  <213> Staphylococcus epidermidis

<400> 32
cccaagctta cttttttctt ctaaagatat atagtcc 37

<210> 33
<211> 30
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 33
cccgaattca attatcccc tgtgctgttg 30

<210> 34
<211> 33
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 34
cccgaattct agtttttcag gaggcaagtc acc 33

<210> 35
<211> 28
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 35
ggcggatccg aaggtaatca tcctattg 28

<210> 36
<211> 28
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 36
ggcaagcttc taaatatgtg tcattttc 28

<210> 37
<211> 4
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 37

Gly Gly Ala Gly
1

<210> 38
<211> 13
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 38

Asp Tyr Ser Glu Tyr Glu Asp Val Thr Asn Asp Asp Tyr
1 5 10

```



```

: <210> 39
  <211> 5
  <212> PRT
  <213> Staphylococcus aureus

<400> 39

Leu Pro Asp Thr Gly
1          5

```